中華農業研究（Jour. Agric. Res. China）45(2)：128～136（1996）

優良單交種玉米之親本改良—理想自交系供給親鑑別方法之比較與應用[1]

何千里　謝光照　盧煌勝[2]

摘要：鑑別理想自交系供給親，以作爲優良單交種玉米親本改良之來源，將是玉米育種工作中頗爲重要的項目之一。本研究採用臺農1號、臺南17號、臺農351號及B73×Mo17等四個單交栽培種之八個親本（TA2808-176、TA3651-377、Antigua-2-44-1、P-3184-1-3-1、TA80-2598、TA80-1410、B73及 Mo17）之半互交（不包括反交）材料，進行春、秋、裡等三期作之田間試驗。調查項目包括籽粒產量、株高、穗位高、開花期及吐絲期。臺農1號設計爲有待改良之雜交種，資料估算七種介值：(1)μG 爲自交系供給親所具有但 I_1 或 I_2 並不存在之相對有利基因之數目；(2)μG* 爲 μG 之較少偏差估值；(3)NI 爲淨改良值；(4) PTC 爲三向雜交預測值；(5)UBND爲 μG* 之最低上限值；(6)GCA 爲一般組合力效應；(7)Iw 爲自交系表現值。試驗結果顯示，μG*、NI、PTC、UBND、GCA 相互之間均達顯著相關；六個自交系中，Antigua-2-44-1之 μG*、PTC、UBND 及 GCA 皆名列第一，其作爲改良臺農1號親本之供給親，應最具潛力。

關鍵詞：玉蜀黍、自交系、單交種、有利基因、供給親。

農業上運用雜種優勢以進行增產，玉米是非常成功的作物之一。臺灣自推廣單交種玉米品種臺農1號、臺南17號及臺農351號以來，其單位面積產量確已較舊有品種高出許多。未來爲求產量及品質的繼續突破，我們必須充分利用更多的自交系及族群種原，藉此或可選育出兩個優異的自交系，組成表現更佳的單交種，完全取代現有品種；或選育出一個組合力甚高的自交系，取代原有單交種之一個親本；或經由優良單交種之親本改良，以達到提昇產量或品質的目標。

優良單交種之親本改良工作，是玉米育種中相當經濟有效的途徑之一，國外種子公司使用頻率頗高。對於質的性狀（如某些抗病性等），由於控制此性狀之基因數目不多，在育種材料中很容易辨識出來，經由回交方式（在分離後代，此性狀亦容易篩選），即可將此類基因導入欲改良的親本中，而達成目的。但對於量的性狀，由於控制此性狀之基因數目較多，作用方式也雜，回交導入執行不易。因此，藉著雜交（在此，欲接受改良之自交系爲雜交親本之一），再以譜系法等方式培育而成，似乎較爲可行。與優良單交種之親本雜交之對象材料，當然必須具有某些有利的基因，可資利用，但往往亦可能同時攜有某些不利的基因，造成困擾。因此，在育種過程中，育種種家最關心的，也是影響育種成敗最具關鍵的，莫過於慎選親本了。

有關鑑別親本種源的方法，隨育種目標之不同而略有差異。Dudley[3-10]研究發展基因轉移理論及鑑定理想族群或自交系供給親的方法，以協助育種家達成優良單交種親本改良的目的。在鑑別理想

1. 臺灣省農業試驗所　研究報告第 1843 號。
2. 本所農藝系助理研究員、助理研究員及研究員。臺灣省　臺中縣　霧峰鄉。

自交系供給親方面，Dudley[3,5]最初在其報告中設計一個可以鑑別具有利基因自交系之遺傳模式，將一優良單交種 $I_1 \times I_2$ 及可能之供給親 Iw 三者間所形成之八個等級基因座列如表 1，介值 μG 可用以估算供給親自交系所具有利基因之相對基因座數目。Gerloff and Smith[13,14]另提出 UBND（最低上限 minimum upper bound)及 TC（三向雜交平均值 three-way cross mean）兩種估值。隨後 Dudley[7,9]修訂部分假設前提，而設計另一估值 μG*，以減少 μG 之偏差。許多育種家也常利用以自交系本身的表現、三向雜交預估值（predicted three-way cross performance-PTC）及一般組合力效應（general combining ability effects-GCA）來評估一自交系的育種潛能[16,20]。Bernardo[1]則創設淨改良值 NI（net improvement），以估算在親本改良過程中，得自理想自交系供給親之有利基因與原單交種中所失去之有利基因間之差值。Bernardo[2]更將 Dudley[3-10]之理論擴展爲藉一最普遍之自交系爲測試親，以鑑別其他自交系親本，使應用在譜系育種法之介值μ（E+F+G）。上述各種介值之計算及假設前提並非完全一致，同時其所需要評估的試驗材料也不盡相同。Misevic[18,19]、Gerloff and Smith[13,14]、Bernardo[1,2] 及 Zanoni and Dudley[22] 在實際運用上或理論研究上，都曾作了一些討論。

表 1. 三個同型結合自交系可能之基因座等級

Table 1. Genetic status of classes of loci possible for three homozygous lines

Class of loci	Line[z]		
	I_1	I_2	I_w
A	+	+	+
B	+	+	−
C	+	−	+
D	+	−	−
E	−	+	+
F	−	+	−
G	−	−	+
H	−	−	−

[z] + =loci homozygous for favorbale allele ; − =loci homozygous for unfavorable allele.

本研究之目的，乃藉臺灣三個最主要的飼料玉米推廣品種臺農 1 號、臺南17號、臺農351號及美國最普遍之雜交種 B73×Mo17 等四個單交種之八個自交系親本之半互交（不包括反交）材料，進行春、秋、裡等三期作田間試驗估算 μG、μG*、NI、PTC、UBND、GCA及Iw 等七種介值，並比較每一種鑑別方法之優劣，以爲研究者參考之用。

材料與方法

一、試驗材料

本研究之 8×8 半互交（不包括反交）試驗，八個親本：TA 2808-176、TA 3651-377、Antigua-2-44-1、P-3184-1-3-1、TA 80-2598、TA 80-1410、B73及 Mo17，分別爲臺農 1 號、臺南17號、臺農351號及 B73×Mo17等四個單交種玉米之父母本。八個親本之背景資料來源描素如表 2。二十八個 F_1 組合之雜交種子生產，於1991年 8 ～12月間在農試所農場完成。

表 2. 八個自交系之背景資料

Table 2. Backgrounds of the eight inbred lines evaluated

Code	Inbred line	Background
S	TA2808-176	ICAL210 derivative
T	TA3651-377	Hi31 derivative
U	Antigua-2-44-1	Antigua-2 Syn. derivative
V	P-3184-1-3-1	Pioneer Syn. derivative
W	TA80-2598	CM105 derivative
X	TA80-1410	77-4441 derivative
Y	B73	BSSS C_5
Z	Mo17	187-2×C103

二、試驗方法

二十八個 F_1 組合及八個親本，共計三十六個參試，試驗於1992年春、秋、裡三期作在農試所農場進行。為避免雜交種與自交系親本間差距懸殊之競爭能力，二十八個 F_1 組合與八個親本將在相鄰的田區分別種植。田間均採逢機完全區集設計，四重複，三行區，行長 5 公尺，行株距70×25公分，公頃株數57,143。肥料施用量為 N：P_2O_5：K_2O=200：90：60公斤／公頃，基肥包括 N 60 公斤，P_2O_5 及 K_2O 全量，播種後一個月及雄花抽穗前分別加施 N 70公斤各一次。其他田間管理，如除草、中耕、培土及灌溉等，依一般玉米栽培法進行。玉米生育期間調查株高、穗位高、開花期、吐絲期及籽粒產量等五個性狀。

三、統計分析

三期作之試驗資料合併進行綜合變方分析[17]。變方分析中，期作設定為逢機型，F_1 組合及自交系親本均設定為固定型。F_1 組合之平方和將劃分成一般 (GCA) 及特殊 (SCA) 組合力效應[12,15]。臺農 1 號設計成有待改進之優良單交種 ($I_1 \times I_2$)，其餘六個親本均為具供給親潛力之自交系 (Iw)。籽粒產量性狀在三期作之平均值作為計算下列七個不同的介值：

(1)μG－自交系供給親具有但 I_1 或 I_2 並不存在之相對有利基因數目[3]

$$\mu G = [(I_1 \times Iw) + (I_2 \times Iw) - (I_1 \times I_2) - I_1 - I_2 - Iw] / 4$$

(2)μG^*－μG之較少偏差估值[9]

$$\mu G^* = [(I_1 \times Iw) + (I_2 \times Iw) - (I_1 \times I_2) - I_1] / 4 \text{ if } \bar{q}_{j0}, \bar{q}_{k1};$$

$$\mu G^* = [(I_1 \times Iw) + (I_2 \times Iw) - (I_1 \times I_2) - I_2] / 4 \text{ if } \bar{q}_{j1}, \bar{q}_{k0};$$

$$\mu G^* = [2(I_1 \times Iw) - (I_1 \times I_2) - I_2] / 4 \text{ if } \bar{q}_{j0}, \bar{q}_{j1};$$

$$\mu G^* = [2(I_1 \times Iw) - (I_1 \times I_2) - I_1] / 4 \text{ if } \bar{q}_{k0}, \bar{q}_{k1};$$

(3)NI－淨改良值[1]

$$NI = \text{maximum } [(I_1 \times Iw - I_1 \times I_2)/2, (I_2 \times Iw - I_1 \times I_2)/2]$$

(4)PTC－三向雜交預測值[20]

$$PTC = [(I_1 \times Iw) + (I_2 \times Iw)] / 2$$

(5)UBND－μG^*之最低上限[13]

$$UBND = \text{minimum } [(I_1 \times Iw) - I_1, (I_2 \times Iw) - I_2]$$

(6)GCA－一般組合力效應[11]

每一自交系的 GCA，為一組半互交組合中，此一自交系參與之雜交組合之平均值與所有雜交組合平均值間之離差。

(7)Iw－自交系供給親本身之表現

二十八個 F_1 組合所估算得到之以上七個不同介值，可評估每一自交系供給親的應用價值，七個估值間之關聯性亦藉簡單相關係數來加以比較[21]。

結果與討論

試驗資料經統計分析結果列如表 3，五個性狀平均雜種優勢值，開花期、吐絲期爲負值，餘爲正值，其中以籽粒產量最大（151.26%），開花期最小（－6.83%）；一般組合力佔雜交種平方和之比例，以穗位高最大（40.79%），株高最小（8.13%）籽粒產量僅佔了18.31%，因此，顯性或上位性作用對籽粒產量之影響遠高於累加性作用，此與多數研究者的試驗結果相符[16]。開花期及吐絲期，雜交種約較自交系早了4.2天及5.4天；株高、穗位高及籽粒產量，雜交種則明顯的高過自交系。

表 3. 八個自交系半互交組合之雜種優勢、一般組合力及平均值

Table 3. Midparent heterosis, general combining ability, and means for a half-diallel set of 8 inbred lines evaluated

	Day to flowering	Day to silking	Plant height	Ear height	Grain yield
	%				
Heterosis[z]	−6.83	−8.42	35.22	42.29	151.26
GCA[y]	8.46	10.89	8.13	40.79	18.31
	day	day	cm	cm	(t/ha)
F_1 means[x]	57.23	59.42	213.27	96.28	4.81
Inbred means[w]	61.42	64.89	157.72	67.66	1.91

[z] Heterosis：100（F_1−MP）／MP where MP=midparent.
[y] Percent of hybrid sums of squares explained by GCA.[12]
[x] F_1 means：Average of all single crosses.
[w] Inbred means：Average of 8 inbred lines.

自交系之公頃籽粒產量差異非常顯著，其中 W 之3.67公噸最高，Z 之0.66公噸最少（表 4）。自交系 W 爲 CM105 之分離系，CM105 屬熱帶型硬粒種玉米，適應性頗強。W 之開花期、吐絲期分別爲60.1天及64.4天；株高及穗位高分別爲180.4公分及91.1公分。自交系 Z 分離自187-2×C103，屬溫帶型馬齒種玉米，開花期、吐絲期分別爲60.2天及65.0天；株高及穗位高分別爲133.6公分及40.9公分。單交組合中以 S×T 及 S×Y 之籽粒產量分別高達6.28公噸及6.25公噸，其餘則介於3.22—5.84公噸之間（表 4）。S×T 爲臺灣種植面積最廣的飼料玉米品種臺農 1 號，其高產本在意料之中；S×Y 亦達到類似的產量，可見 S 與 Y 間有很高的特殊組合力。單交組合之開花期介於55.5天（U×Z）－59.0天（U×W）；吐絲期介於57.6天（S×Y）－62.7天（U×W）；株高介於195.1公分（U×W）－225.5公分（S×T、S×Y）；穗位高介於80.7公分（Y×Z）－110.5公分（W×X)(表 3）。每一個性狀各單交組合間之差異甚大，此與八個自交系之來源分歧頗爲有關(表4)。

表 4. 雜交種（對角線右上方）及自交系系（對角線上）之籽粒產量平均（t/ha）

Table 4. Grain yield means (t/ha) for the single crosses (above diagonal)[z] and inbreds (on diagonal)[y]

Inbred	S	T	U	V	W	X	Y	Z
S	2.93	6.28	5.84	5.68	5.49	5.41	6.25	5.36
T		1.05	5.75	4.75	4.99	3.54	3.49	4.27
U			2.16	5.58	3.22	4.55	4.68	5.67
V				1.70	5.05	4.86	4.49	3.49
W					3.67	5.54	4.42	4.60
X						2.25	3.89	4.32
Y							0.90	3.28
Z								0.66

[z] $LSD_{(0.05)}$ for F_1 mean=2.06.
[y] $LSD_{(0.05)}$ for inbred mean=0.79.

當設定 S×T 爲欲改良之單交種（專指籽粒產量而言），自交系 U、V、W、X、Y、Z 爲有利基因之可能供給親，估算七種介值結果，多數自交系之 NI、UBND、PTC、μG* 及 Iw 皆達顯著，μG 及 NI 全數爲負值（表5）。自交系 X 有最大之 μG 及 NI（分別爲−0.89及−1.37）；而自交系 U 之 μG 及 NI 最小（分別爲−0.21及−0.27）。自交系 U 之 UBND、PTC 及μG* 均爲六個供給親中最高者（分別爲2.91、5.79及1.07）；自交系 Z 之 UBND（2.40）、自交系 X 之 PTC（4.48）及自交系 V 之 μG*（0.41）都是供給親中最低者。自交系 W 之 Iw 最高（3.67），約爲自交系 Z（0.66）之六倍；自交系 U、V、W 之 GCA 爲正值，X、Y、Z 之 GCA 則爲負值。

表 5. 設定 S×T 爲欲改良之單交種所獲籽粒產量之 μG、NI、UBND、PTC、μG*、Iw 及 GCA 估值

Table 5. Different estimates of favorable alleles not in S×T (μG, μG* and UBND), inbred *per se* mean (Iw), predicted three-way cross means (PTC), and general combining ability (GCA) effects for grain yield (t/ha) when S×T was desigated as the hybrid to be improved

Inbred	μG	NI	UBND	PTC	μG*	Iw	GCA
U	−0.21	−0.27	2.91*	5.79*	1.07*	2.16*	0.23
V	−0.38*	−0.77*	2.75*	5.22*	0.78*	1.70*	0.01
W	−0.86*	−0.65*	2.57*	5.24*	0.79*	3.67*	0.17
X	−0.89*	−1.37*	2.49*	4.48*	0.41*	2.25*	−0.15
Y	−0.36	−1.34*	2.44*	4.87*	0.60*	0.90	−0.52*
Z	−0.33	−1.00*	2.40*	4.80*	0.57*	0.66	−0.50*
S						2.93*	0.95*
T						1.05	−0.18

* Larger than 2×SE.

本研究中七個介值之相關性，除了 μG 及 Iw 外，其餘 NI、UBND、PTC、μG*、GCA 間均有顯著之正相關（表6），因此，就本試驗材料而言，作爲選擇理想供給親之參考方法，NI、UBND、PTC、GCA 與 μG* 之效果應該相類似。μG 除了與 Iw 爲顯著負相關外，與其他介值間之相關係數均甚低（−0.20∼0.48）。Zanoni and Dudley[22]報告中指出，μG* 與 UBND 及 PTC 之相關性最高，其次爲 GCA、Iw 及 μG；本研究資料與 Zanoni and Dudley[22]之結果也有類似。

表 6. 籽粒產量介值間之相關係數

Table 6. Correlation coefficient among estimators for grain yield

Estimator	NI	UBND	PTC	μG^*	Iw	GCA
μG	0.34	0.36	0.48	0.48	−0.68*	−0.20
NI		0.83*	0.94*	0.94*	0.43	0.78*
UBND			0.87*	0.87*	0.34	0.81*
PTC				0.99*	0.32	0.71*
μG^*					0.32	0.71*
Iw						0.81*

* Significant at the 0.05 probability levels.

Dudley[3]建議，比較自交系間之親疏關係（$\mu C+\mu F$ 及 $\mu D+\mu E$），並參考μG 值，可作爲選擇理想供給親之依據。實際上，雜種優勢〔$(I_1\times I_2)-(I_1+I_2)/2=\mu C+\mu D+\mu E+\mu F$〕也可顯示出自交系親本間基因座之相似性與互補性。本研究中各單交組合之雜種優勢達4.0以上的計有 S×T、S×Y、T×U 及 U×Z 等四個（表7），自交系 S 及 U 分別爲熱帶型硬粒種 ICAL210 及 Antigua-2 Syn. 之分離系，自交系T、Y、Z 則分別源自溫帶型馬齒種 Hi31、BSSS C_5、187−2×C103。S 與 T、Y 之間及 U 與 T 、Y 之間似乎有較遠之親緣關係，因此其雜種優勢特別強；而同爲熱帶型硬粒種之自交系 U 與 W 之間，基因座之互補性特別小，其雜種優勢表現即非常弱（0.31）。多數學者研究雜種優勢模式，常因材料不同而結果互異[16]，不過熱帶型×溫帶型及馬齒種×硬粒種所顯現的雜種優勢現象已多獲肯定。

表 7. 籽粒產量之雜種優勢（t/ha）

Table 7. Heterosis for grain yield (t/ha)

Inbred	T	U	V	W	X	Y	Z
S	4.30	3.29	3.36	2.20	2.82	4.33	3.53
T		4.15	3.37	2.63	1.89	2.51	3.42
U			3.65	0.31	2.34	3.15	4.26
V				2.36	2.88	3.19	2.31
W					2.58	2.14	2.44
X						2.31	2.87
Y							2.51

Heterosis$=F_1-$MP where MP=midparent.
2×SE of difference=1.71.

Dudley[3]最早提出之 μG 介值，基本上其假設控制數量性狀之顯性有利基因（在 G 級基因座上）係存在於供給親 Iw 上，但優良單交種（$I_1\times I_2$）之親本 I_1 及 I_2 並不擁有此基因。應用 μG 之前提爲 $z=-\mu$ 及 $a=1$，即基因型＋＋、＋－及－－之基因型值（genotypic value）分別爲 $z+2\mu$、$z+\mu+a\mu$ 及 z，其中 μ 爲二同型結合體離差之半值，z 爲隱性基因型值；而 a 爲顯性程度，$a=1$、$a<1$ 及 $a>1$ 分別代表完全顯性、部分顯性及超顯性。隨後，Dudley[7]發現 $z=-\mu$ 及 $\mu A=\mu H$ 之前提並不十分合理，因此，遂去除以上二項前提，另創一介值 μG^* 。應用 μG^* 當然也面臨是否符合 $a=1$、μ 在每一基座上爲常數、無上位性（no epistasis）三項條件所產生之影響。在 $a\neq1$ 之情況下，μG^* 介值之估算難免會多少有所偏差，如$a<1$ 及 $a=0$ 均易造成 μG^* 之低估；而 $a>1$則 μG^* 將有高估之虞。μ在所有基因座若並非常數時，對 μG^* 估值之影響較難清楚

，不過，一般而言，除非多數供給親自交系之 G 級基因座上的 μ 值變域甚大，否則 μ 值的變異對理想供給親的選擇應不致有太大的影響。另外，上位性存在時對 μG^* 估値的影響層面，目前仍然無法明瞭[10]。

Gerloff and Smith[13]之 UBND 估算在 G 級基因座中之相對有利基因數目加上 C 級或 E 級之基因座數目總和。在這種情況下，供給親 Iw 與 I_1 或 I_2 有共同之有利基因，同時供給親 Iw 也與 I_1 或 I_2 有共同之不利基因（表 1）。因此，當 C 及 E 級具較多有利基因時，UBND 所提供之訊息或將嚴重高估了供給親之應用潛力。PTC 估算 G 級基因座數目與 B、C、E 級基因座上有利基因及 A、H 級基因座離差之總和，就 B、C、E 級基因座而言，三者同屬二自交系爲有利同型結合（+）及另外一自交系爲不利同型結合（−），PTC 介值也可能造成 G 級基因座數目之高估（表 1）。

在親本改良過程中，得自理想供給親之有利基因與原單交種中所失去之有利基因之差值大小，可藉 Bernardo[1]所創立之淨改良值 NI 加以估算。自交系供給親本身之表現（Iw），可作爲單交種子經濟生產之考量條件，卻無法直接作爲預測單交種表現之依據。評價自交系潛力，GCA 爲應用最廣的方法之一。累加性作用爲主之性狀，以 GCA 作爲評判標準應屬可靠；非累加性作用爲主之性狀（如產量），僅以 GCA 作爲評判標準，失誤機會頗大，應進一步參考其他數據才可作決定。

在有關鑑別理想自交系供給親以作爲優良單交種玉米親本改良來源之已發表方法中，除 Gerloff and Smith[13,14]之 TC（SC）及 Bernardo[2]之 μ（E+F+G）未使用在本研究外，其餘七種介值已全部涵蓋。Gerloff and Smith[13,14]之 TC（SC），若將 $I_1 \times I_2$ 列爲特定之臺農 1 號則僅需六個之 Iw×（$I_1 \times I_2$）組合，執行起來頗爲單純；但由於部分 Iw×（$I_1 \times I_2$）組合之種子生產不完全，以致無法參與試驗，及在本研究中討論。Bernardo[2]之 μ（E+F+G），係將 Dudley[9]之方法擴充到藉一常用優良自交系爲測試親，以鑑別其他自交系是否具有利基因，可資選擇親本以配合此測試親應用於譜系育種法中，其估算公式中，將 Dudley[9]之 I_1，I_2 及Iw 更改爲 T，I_k 及 I_{k1}。若將本研究資料在統計時略作修改，亦可得到μ（E+F+G）之估値以作爲參考，惟因其性質與本研究主題稍有差異，故不在本研究中進一步比較。

本研究資料分析結果顯示，NI、UBND、PTC、μG^*、GCA 五種介值相互間具有很高之相關性；而在鑑別理想自交系供給親方面，所測定之六個自交系中，U（Antigua-2-44-1）表現特別優異，其 UBND、PTC、μG^* 及 GCA 均爲六個當中之最高者，而其 Iw 亦可達每公頃2.16公噸（第三位）。就本試驗材料而言，進行臺農 1 號之親本改良計畫，Antigua-2-44-1將爲最理想之供給親。

引用文獻

1. Bernardo, R. 1990a. An alternative statistic for identifying lines useful for improving parents of an elite single cross. Theor. Appl. Genet. 80 : 105—109.
2. Bernardo, R. 1990b. Methods of choosing parents in a pedigree breeding program given an elite inbred tester. Maydica 35 : 267—271.
3. Dudley, J. W. 1984. A method of identifying lines for use in improving parents of a single cross. Crop Sci. 24 : 355—357.
4. Dudley, J. W. 1984b. A method for identifying populations containing favorable alleles not present in elite germplasm. Crop Sci. 24 : 1053—1054.
5. Dudley, J. W. 1984c. Identifying parents for use in a pedigree breeding program. pp. 176—188. *In* D. Wilkinson, and R. Brown (ed.) Proc. 39th Annu. Corn and Sorghum Industry Res. Conf., Chicago, IL. 5—6 December. Am. Seed Trade Assoc., Washington, DC.

6. Dudley, J. W. 1984d. Theory for identification and use of exotic germplasm in maize breeding programs. Maydica 29 : 391—407.

7. Dudley, J. W. 1987a. Modified methods of identifying populations or lines with favorable alleles for improving an elite single cross. pp. 22—42. *In* Proc. 23rd Illinois Corn Breeders School, 3—4 Mar. 1987. Champaign, IL.

8. Dudley, J. W. 1987b. Modification of methods for identifying populations to be used for improving parents of elite single crosses. Crop Sci. 27 : 940—943.

9. Dudley. J. W. 1987c. Modification of methods for identifying inbred lines useful for improving parents of elite single crosses. Crop Sci. 27 : 944—947.

10. Dudley, J. W. 1988. Theory for identification of lines or populations useful for improvement of elite single crosses. *In* B. Weir (ed.) Proc. Ind. Int. Conf. on Quantitative Genetics, Raleigh, NC. 1—5 June. 1987. Sinauer Assoc., Sunderland. HA.

11. Falconer, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics. 2nd ed. Longman Inc., New York.

12. Gardner, C. O., and S. A. Eberhart. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics 22 : 439—452.

13. Gerloff, J. E., and O. S. Smith. 1988a. Choice of method for identifying germplasm with superior alleles. 1. Theoretical results. Theor. Appl. Genet. 76 : 209—216.

14. Gerloff, J. E., and O. S. Smith. 1988b. Choice of methods for identifying germplasm with superior alleles. 2. Computer simulation results. Theor. Appl. Genet. 76 : 217—227.

15. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9 : 463—493.

16. Hallauer, A. R., and J. B. Miranda, Fo. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa, pp. 468.

17. McIntosh, M. S. 1983. Analysis of combined experiments. Agron. J. 75 : 153—155.

18. Misevic, D. 1989a. Identification of inbred lines as a source of new alleles for improvement of elite maize single crosses. Crop Sci. 29 : 1120—1125.

19. Misevic, D. 1989b. Evaluation of three test statistics used to identify maize inbred Lines with new favorable alleles not present in elite single cross. Theor. Appl. Genet. 77 : 402—408.

20. Sprague, G. F., and S. A. Eberhart. 1977. Corn breeding. *In* G. F. Sprague (ed.) Corn and corn improvement. 2nd ed. Agronomy 6 : 305—363.

21. Steel, R. J., and J. H. Torrie. 1980. Principles and procedures of statistics. McGraw-Hill Book Co., New York.

22. Zanoni, U., and J. W. Dudley. 1989. Comparison of different methods of identifying inbreds useful for improving elite maize hybrids. Crop Sci. 29 : 577—582.

Improvement of Parents of Elite Single Crosses Maize-Comparison and Application of Methods for Identifying Inbred Lines with Favorable Alleles[1]

Chang-Lee Ho, Guang-Jauh Shieh and Hung-Shung Lu[2]

Summary

The identification of inbred lines as sources of favorable alleles not already present in an elite single cross is an important part of a pedigree maize breeding program. A half-diallel set of eight maize inbred lines, TA2808-176, TA3651-377, Antigua-2-44-1, P-3184-1-3-1, TA80-2598, TA 80-1410, B73 and Mo17, representing four popular single-crosses cultivars (Tainung No. 1, Tainan No. 17, Tainung No. 351 and B73×Mo17) were evaluated in three environments (spring, fall and winter crop seasons) for grain yield, plant height, ear height, flowering date and silking date. Tainung No.1 was designated as the elite hybrid to be improved. The following seven estimates were compared for their values of an inbred as a parent for improving performance of an elite single cross : (1)μG—the relative number of favorable alleles ; (2)μG*—less biased of μG ; (3)NI—net improvement ; (4)PTC—predicted three-way cross performance ; (5)UBND-minimum estimate of an upper bound on μG* ; (6) GCA-mean general combining ability effect ; (7) Iw-mean inbred *per se* performance. The results indicated that there were high correlation among μG*、NI、PTC、UBND and GCA for grain yield. Inbred Antigua-2-44-1 had the largest μG*、PTC、UBND and GCA, and was the line chosen as potential donor line for improving parents of Tainung No. 1.

Key words : *Zea mays* L., Inbred line, Single cross, Favorable alleles, Donor.

---

1. Contribution No. 1843 from Taiwan Agricultural Research Institute.
2. Respectively, Assistant Agronomist, Assistant Agronomist, and Senior Agronomist, TARI. Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.